

ANÁLISIS FUNCIONAL DEL OPERÓN QUIMIOTÁCTICO 1 DE *Rhodobacter sphaeroides*

Martínez del Campo A.¹, Ballado T.¹, Gaytán M.¹, de la Mora J.¹, Camarena L.², Dreyfus G.¹

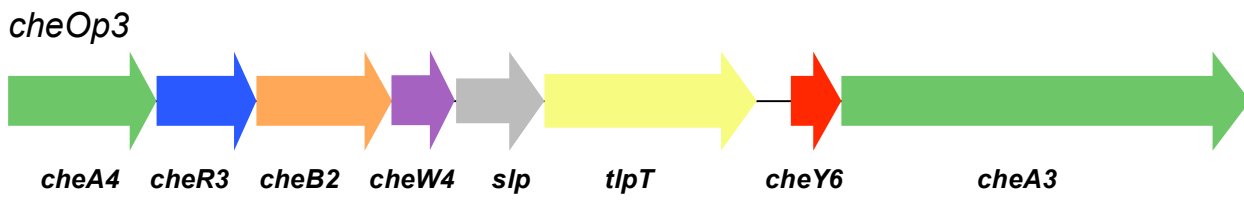
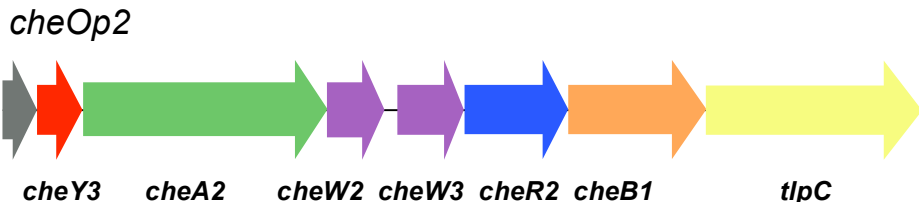
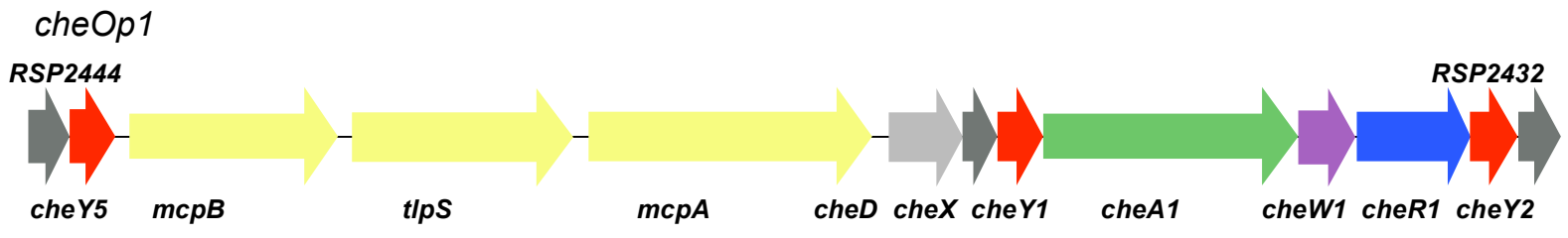
¹Departamento de Genética Molecular, Instituto de Fisiología Celular, UNAM. Apdo. Postal 70-243 Cd. Universitaria. México, D.F. 04510. Tel. 56225618, Fax. 56225611, gdreyfus@ifc.unam.mx

²Departamento de Biología Molecular y Biotecnología, Instituto de Investigaciones Biomédicas, UNAM.

Rhodobacter sphaeroides es una bacteria púrpura no sulfurosa que pertenece al grupo de α -proteobacterias. Su genoma contiene dos grupos de genes flagelares que codifican para dos sistemas flagelares distintos: un flagelo subpolar (*fla1*) y varios flagelos polares (*fla2*). Además, *R. sphaeroides* presenta un sistema quimiotáctico muy complejo ya que posee varios genes quimiotácticos reiterados: 13 receptores, 4 proteínas adaptadoras *cheW*, 4 cinasas sensoras *cheA*, 6 reguladores de respuesta *cheY*, 2 metilesterasas *cheB*, 3 metiltransferasas *cheR*, pero ningún homólogo de la fosfatasa *cheZ*. La mayoría de estos genes están organizados en tres operones que potencialmente codifican para vías quimiotácticas completas (Fig. 1). De estos, sólo los operones 2 y 3 son esenciales para la respuesta quimiotáctica del sistema *fla1*. Sin embargo, los reguladores de respuesta *CheY1*, *CheY2* y *CheY5*, los cuales están localizados en el operón 1, son necesarios para el sistema *fla2*. Estos descubrimientos sugieren que *R. sphaeroides* posee vías quimiotácticas independientes para cada sistema flagelar y que probablemente los genes localizados dentro del operón 1 son importantes para el control del sistema *fla2*. Dentro del operón 1 (Fig. 1) se encuentran los genes *cheY5*, *mcpB*, *tlpS*, *mcpA*, *cheD*, *cheX*, *cheY1*, *cheA1*, *cheW1*, *cheR1*, *cheY2*; y dos marcos de lectura abierta *RSP2432* y *RSP2444*, los cuales son proteínas hipotéticas cuya función se desconoce.

Para poder analizar la posible participación del operón 1 en la respuesta quimiotáctica del sistema *fla2* se generaron mutantes por interrupción de los genes localizados dentro de este operón en dos fondos genéticos: *fla1*⁺ *fla2*⁻ y *fla1*⁻ *fla2*⁺. Las mutantes *cheY5::spc*, *mcpB::spc*, *tlpS::spc*, *cheD::spc*, *cheX::spc*, *cheY1::spc*, *cheA1::spc*, *cheW1::spc* y *cheR1::spc* fueron analizadas en cajas de nado aeróbicas con diferentes quimioatrayentes (acetato, succinato, piruvato, propionato, malato y fumarato). Todas las mutantes, excepto *mcpB::spc*, mostraron un comportamiento diferente al de la cepa silvestre en el fondo genético *fla1*⁻ *fla2*⁺; produciendo halos de nado más pequeños. En contraste, las mismas mutantes en un fondo genético *fla1*⁺ *fla2*⁻ presentaron un fenotipo similar al del silvestre. Estos datos sugieren que el operón quimiotáctico 1 es esencial para la regulación quimiotáctica del sistema *fla2*; y apoyan la hipótesis que propone que los dos sistemas flagelares están controlados por diferentes proteínas de la vía de señalización quimiotáctica.

Proyecto financiado por CONACyT (47172/A-1)



1000pb